RESUMO - PROTOZOOLOGIA E PATÓGENOS TRANSMITIDOS POR VETORES

EVIDÊNCIA MOLECULAR DE INFECÇÃO POR NEOSPORA CANINUM EM AVES SILVESTRES: DESCRIÇÕES INÉDITAS

Ana Vitória Alves Sobrinho (anasobrinho@discente.ufg.br)

Laura Henrique (laura.henrique@estudante.ufla.br)

Luana Almeida Lopes (luana.lopes2@estudante.ufla.br)

Lais Graziele Ribeiro Tomaz (lais.tomaz1@estudante.ufla.br)

Lorrayne Honório De Paula (lorraynehonorio@discente.ufg.br)

Nathália Rodrigues Gonçalves (nathalia0998@gmail.com)

Talita Dayane Pereira E Silva (talita.vet@hotmail.com)

Marielly Amaral Costa (mariellyac@gmail.com)

Luiz Daniel De Barros (luiz.barros@ufla.br)

Weslen Fabricio Pires Teixeira (weslenteixeira@hotmail.com)

Neospora caninum é um organismo intracelular apicomplexo, responsável por distúrbios neuromusculares em cães e perdas reprodutivas em bovinos. Considerando o ciclo silvestre como uma interface do ciclo doméstico, estudos

sorológicos e moleculares têm investigado a possível participação de espécies aviárias na epidemiologia de N. caninum, em função das características biológicas e ecológicas apresentadas pelo grupo e que são favoráveis à dispersão do parasito na natureza. O presente estudo teve como objetivo detectar o DNA de N. caninum em aves silvestres do estado de Goiás, Brasil. Foram analisadas amostras de tecido encefálico de 152 aves, pertencentes a 40 espécies distribuídas em 14 ordens, que vieram a óbito após acompanhamento clínico no Centro de Triagem de Animais Silvestres (CETAS/IBAMA) localizado em Goiânia. Inicialmente, procedeu-se a extração do DNA genômico, utilizando o kit comercial DNeasy Blood & Tissue (Qiagen®), seguindo as recomendações do fabricante, com adaptações no protocolo. Posteriormente, realizou-se a detecção molecular por meio da reação em cadeia da polimerase (PCR) direcionada ao gene Nc5. Por fim, uma análise descritiva foi conduzida determinando a frequência de positividade de espécies e ordens aviárias. N. caninum foi detectado em 16,45% (25/152) das aves analisadas. A maior frequência foi observada na ordem Psittaciformes, correspondendo a 56% (14/25) das amostras positivas, seguida por Passeriformes com 16% (4/25), Pelecaniformes e Strigiformes com 8% (2/25) cada, além de Columbiformes, Coraciiformes e Piciformes com 4% (1/25) cada. Entre os Psittaciformes, Psittacara leucophthalmus apresentou a maior positividade, com 20% (5/25), seguida por Brotogeris chiriri com 16% (4/25). As demais espécies, como Amazona aestiva, Amazona amazonica, Ara ararauna, Eupsittula aurea e Orthopsittaca manilatus, apresentaram positividade de 4% (1/25) cada. Na ordem Passeriformes, identificaram-se indivíduos positivos das espécies Pitangus sulphuratus com 8% (2/25), Sporophila maximiliani e Tyrannus melancholicus, ambos com 4% (1/25). Para as demais ordens, a positividade foi distribuída de forma pontual, sendo detectada em Patagioenas picazuro (Columbiformes), Momotus momota (Coraciiformes), Theristicus caudatus e Syrigma sibilatrix (Pelecaniformes), Ramphastos toco (Piciformes), Athene cunicularia e Tyto furcata (Strigiformes), todas com 4% (1/25). A distribuição dos resultados entre diferentes ordens, com distintos hábitos alimentares e ecológicos, sugere múltiplas vias potenciais de exposição ao parasito, possivelmente associadas à ingestão de água e solo contaminados com oocistos ou presas infectadas. Os resultados obtidos no presente estudo

representam registros inéditos da detecção do DNA de N. caninum nas espécies analisadas, ampliando o espectro de espécies aviárias hospedeiras do parasito.

Palavras-chave: avifauna; gene nc5; hospedeiros; neosporose; pcr.